

Lima, SL^{1,2}; Gramacho, KP²; Gesteira, A¹; Carels, N¹; Cascardo, J¹; Micheli, F^{1,3}¹Departamento de Ciências Biológicas, Universidade Estadual de Santa Cruz; ²Cepec, Ceplac; ³Cultures Perennes-UMR PIA, Cirad.

Análise bioinformática para detecção de polimorfismo de base única em bibliotecas de interação Cacao-*Crinipellis*

O uso de técnicas computacionais é um dos aspectos decisivos para o grande avanço da genética atual. A bioinformática permite a análise e interpretação de grandes quantidades de dados genéticos. Atualmente, grande parte dos estudos desenvolvidos visando a identificação de SNPs (polimorfismos de nucleotídeos únicos) tem explorado seqüências de cDNA ou ESTs (Expressed Sequence Tags), por meio de análises computacionais. Os bancos de dados de ESTs apresentam um elevado grau de redundância, e o fato de as seqüências serem derivadas de tecidos de vários indivíduos torna a utilização desses bancos muito promissora para a identificação de polimorfismos. O estudo dos SNPs é uma importante ferramenta para a identificação de marcadores genéticos nas doenças em estudos populacionais. O presente trabalho teve como proposta a identificação de SNPs a partir de seqüências de ESTs obtidas de bibliotecas de interação Cacao-*Crinipellis*. Foram utilizadas para esta análise os resultados do sequenciamento das bibliotecas de cDNA de cacao infectados pelo *C. pernicioso* (UESC, CEPLAC, Cirad) que obtiveram seqüências de Catongo (planta suscetível, biblioteca de meristemas), do TSH1188 (planta resistente, bibliotecas de meristemas e frutos), e seqüências providas de outras bibliotecas de cacao disponíveis nos bancos de dados (Jones *et al.*, 2002, variedades Amelonado, P7B, R10, Spec54, UF221 e Sic5; Verica *et al.*, 2004, Forastero variedade Comum). Foi feito um BLAST e selecionados 30 genes ligados à resistência que foram analisados por meio de bioinformática, comparando-os às bibliotecas de catongo, TSH e dos outros banco de dados supracitados. Dos resultados obtidos retirou-se todas as seqüências com 100% de homologia e as que blastaram com tamanho pequeno, inferior a 60 pb. A partir daí foram passadas no programa Clustal W, que tem por finalidade o alinhamento múltiplo de seqüências, e os resultados analisados quanto à presença de polimorfismos. Dos 30 genes analisados no Clustal W, 16 apresentaram homologia com as seqüências das bibliotecas estudadas, destes, 10 genes apresentaram resultados. Foram identificados até o momento 24 possíveis SNPs, sendo 15 substituições do tipo transição. Das substituições identificadas 13 aconteceram em bibliotecas de Catongo (susceptível) alinhados com genes do TSH1188 (resistente), e 2 aconteceram em bibliotecas de bancos de dados de cacao já existentes. ■

Apoio financeiro: CAPES, CNPq, FAPESB.